FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
version 3.3t05 March 30, 2000
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAQPaiHi: 995 aa
 >SEQ ID NO:2
 vs /tmp/fastaDAARPaiHi library
searching /tmp/fastaDAARPaiHi library

    1008 residues in   1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
 join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width: 16
 Scan time: 0.050
                                                              opt
The best scores are:
NM_000096 ACCESSION:NM_000096 NID: gi 4557484 ref (1008) 2671

>>NM_000096 ACCESSION:NM_000096 NID: gi 4557484 ref NM_0 (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980; 57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)

                10   20   30   40   50
SEQ   MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
        ::::::::::::::::.:.:: ..: :::: :. :.::   .. ..: .: :   .::
NM_000 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
             10   20   30   40   50

         60   70   80   90   100   110
SEQ   GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
        .: : . .:::::.:::::. :.   :::: ::::::::.:::::::.:::::: ::: :
NM_000 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
          60   70   80   90   100   110

        120   130   140   150   160   170
SEQ   SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
        ..: ::.:: ::.: :::::::::: .:. . . :::.: : .:.:: .:.:::
NM_000 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVYPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
          120   130   140   150   160   170

        180   190   200   210   220   230
SEQ   TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
        ::::::::::. .:.::::::::..: ::.:..:. . :: :::   .::::..:: ...:
NM_000 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
         180   190   200   210   220   230

        240   250   260   270   280   290
SEQ   IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
        :... .: :. .. :.:: : :.::: .:.::.:.::::::::::.:::.:::. .::
NM_000 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
          240   250   260   270   280   290

        300   310   320   330   340   350
SEQ   PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
        ....::.: ...:.: ::: :::..: ::.::.: :: :::.:   .. ..::::.:.
NM_000 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
          300   310   320   330   340   350

```
              360        370        380        390        400        410
SEQ    NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
        .:.:  :.. .  :  ::  ::::::.:.:.::::::::::.:::.::::  ::  :  .::::..  ::
NM_000 ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
              360        370        380        390        400        410

              420        430        440        450        460
SEQ    IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
        ::::.:::.:::::::::: ..: :     :::::::::::. ..: : :::::.:::..:: :::
NM_000 IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
              420        430        440        450        460        470

              470        480        490        500        510        520
SEQ    QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
        .: :....::.::: .:    .:  :.:: .:::.: :::.: : :::.::::.::: ::
NM_000 EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
              480        490        500        510        520        530

              530        540        550        560        570        580
SEQ    TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
        . .::.::. ::: .::.::. ::..::: .:.:: :::::::::. :..:: :::.::.
NM_000 AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
              540        550        560        570        580        590

              590        600        610        620        630        640
SEQ    N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
        .: : :. :::.:. : :  ::::.::.::.::::: ::: : :.:.:..:.:. :.
NM_000 NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
              600        610        620        630        640        650

              650        660        670        680        690        700
SEQ    HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
        ::::::::.  : ::::  .:: :: :: : ::. ::::.. ::: .: :  :::::::: :
NM_000 HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
              660        670        680        690        700        710

              710        720        730        740        750        760
SEQ    RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
        ::  . . .: :.   ::: :.::::::.:.::::::::...:  .. ...:.
NM_000 NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
              720        730        740        750        760        770

              770        780        790        800        810        820
SEQ    LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
        .:::::::::.:::: :.::    ..:.  :.:: ::::: .  . :. ..::::: :.::::::
NM_000 IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
              780        790        800        810        820        830

              830        840        850        860        870        880
SEQ    HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
        :::::.:..:..::.:: ::    :.:.:::.:  . :   :::: :::::. .:::.:::.
NM_000 HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
              840        850        860        870        880        890
```

```
            890           900       910       920       930
SEQ   GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
      ::: :::    :  .::    .. .: :..::::::::..:.::...:.::.:....:
NM_000 GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
         900       910       920       930       940       950


           940       950       960       970       980       990
SEQ   SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
      ::.::::::::.::: ::.:.:::: :::::.:.::: :::::::::::::.:::.
NM_000 SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
         960       970       980       990      1000
```

995 residues in 1 query   sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:16:31 2002 done: Wed Sep 18 11:16:32 2002
 Scan time: 0.050 Display time: 1.417

Function used was FASTA